



TITLE:

個体間相互作用となわばりのパターン(集団生物学の理論的研究,研究会報告)

AUTHOR(S):

種村, 正美

CITATION:

種村, 正美. 個体間相互作用となわばりのパターン(集団生物学の理論的研究,研究会報告). 物性研究 1983, 40(1): 148-150

ISSUE DATE:

1983-04-20

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/90868>

RIGHT:

個体間相互作用となわばりのパターン

統計数理研究所 種村正美

液体のような原子・分子集団の空間構造が要素間の相互作用ポテンシャルに依存することはよく知られている。これと同様に、動物の巣の配置や植物個体の配置パターンは一様な環境条件のもとでは個体間相互作用のあり方に依存すると考えられる¹⁾。一定の空間領域を占有するなわばり性動物の場合には、このアナロジーは一層有効であろう。すなわち、同種他個体が或るなわばりに侵入しようとするとき、なわばり中心に近づけば近づくほどなわばり所有者から激しい攻撃を受けて侵入を妨げられ、その結果、個体間の距離がなるべく一定に保たれるようになる。これはちょうど、液体において各原子がパウリの排他原理により互いにある程度以上は近づけず、ほぼ等間隔の配置をとるのと同様である。

われわれは、なわばり性動物の生息地が安定な多数のなわばりに分割される様子をボロノイ多角形を用いてモデル化し、実験データや野外観察データとのよい一致を得た²⁾。このモデルでは個体間の反撥型相互作用が、各個体が互いに出きる限り遠ざかってなわばりを同時形成する、あるいは先住個体の占有領域を避けて新しいなわばりを逐次形成するという形で考慮されている。個体間の反撥作用の度合は動物の種毎に異なっていると考えられ、その違いがなわばりのパターンに反映されているであろう。したがってなわばりパターンに関するデータから逆に、反撥作用の度合を測ることができるはずである。データはたいてい点配置パターンのデータとして取られることが多い(なわばりの境界パターンのデータをウミネコの場合に得る方法を現在われわれは研究中である)。われわれはカモメの数種についての巣の最近接距離分布データから、反撥力のそれらの種間の差異を求めた³⁾。小野は数種のスナガニについて、巣孔の最近接距離をそれぞれいくつかの個体群密度において測定し、密度の増加とともになわばりの大きさが縮小する種と、縮小しない種とに分けられることを見出している⁴⁾。

点配置データとして、各点の座標がすべて与えられていれば、含まれる情報が多く、個体間相互作用について定量的な結論が導けるであろう。われわれはこのようなデータから相互作用を推定する統計的手法を提出した⁵⁾。まず、相互作用を個体間距離 r に依存する二体ポテンシャル $\phi(r)$ で表わす。そしてデータのパターンはこのポテンシャルの下で平衡状態にあると仮定する。いま、 N 個体が面積 V の生息地に存在するとし、各個体の位置座標 \vec{x}_i ($i=1, \dots, N$)をまとめて X で表わす。推定しようとするポテンシャルの形とスケールはパラメータ θ で規定されるとして関数の族を $\{\phi_\theta(r); \theta \in \Theta\}$ (Θ はあるパラメータ空間)と表わす。上の仮定から、

そして原子・分子集団とのアナロジーから X の確率密度を Gibbs 分布 $\exp\{-U(X; \theta)\}/Z_{N,V}(\theta)$ で与える。ここで $U(X; \theta) = \sum_{ij} \phi_{\theta}(\vec{x}_i - \vec{x}_j)$ であり、 $Z_{N,V}(\theta)$ は配位分配関数である。

さて、データ X が与えられたときこの Gibbs 分布を θ の関数と見なして $L(\theta; X)$ とおけば、この関数または

$$\ln L(\theta; X) = -\sum_{ij} \phi_{\theta}(\vec{x}_i - \vec{x}_j) - \ln Z_{N,V}(\theta)$$

を最大にする θ が、このデータに最適の θ であろう。ここで現われる困難は、 $Z_{N,V}$ を θ の関数として与えることである。われわれは最初、稀薄気体近似によって⁵⁾、その後、図1に示す反

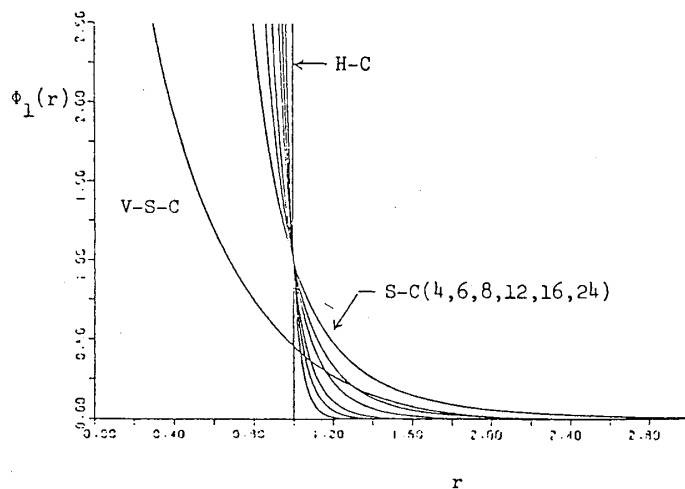


図 1

撥型ポテンシャルモデルのみについて高密度まで有効な近似(計算機実験を含む)によって⁶⁾ $Z_{N,V}(\theta)$ を求めた。そしてモデルの選択には情報量規準AIC⁷⁾を用いることによって、人工データからポテンシャルモデルとパラメータ値の再現性が確認できた。

講演では二種のカモメの巣座標データから推定した個体間反撥ポテンシャルおよび密度について報告した。

本研究は統計数理研究所の長谷川政美氏(なわばりモデルおよびウミネコのデータ収集)および尾形良彦氏(相互作用の推定)との共同研究です。

参考文献

- 1) 森下正明(1976)。「動物の社会」(生態学講座19), 第2章. 共立出版.
- 2) たとえば長谷川政美; 種村正美(1981). 日本物理学会誌 36, 382. およびその中文献参照.
- 3) 種村正美・長谷川政美(1981). 統計数理研究所彙報 28, 61.
- 4) Ono, Y. (1965), Mem. Fac. Sci., Kyushu Univ. Ser. E (Biol.) 4, 1.
- 5) Ogata, Y. & Tanemura, M. (1981), Ann. Inst. Statist. Math. 33B, 315.
- 6) Ogata, Y. & Tanemura, M. (1982), Research Memo. No. 241 Inst. Statist. Math.

7) たとえば赤池弘次(1980). 日本物理学会誌 35, 608.

企業のサイズ分布とその時間発展

帝京大・経済 西山 賢 一

1. 集団生物学では個体群のサイズ分布とその時間変化が詳しく研究されているが、稀少な資源の最適配分を研究対象とする経済学においても、個人間の所得分布や企業のサイズ分布などが長い間研究されてきた。これまで企業のサイズはパレート分布や対数正規分布にしたがっているとされ、またそれらの分布を生み出す仕掛けはジブラの法則(比例的变化の法則)にあるとされてきた。しかし実際にはこれらの分布からはずれる場合もあり、またジブラの法則を満たさなくてもパレート分布になりうる。したがって企業のサイズ分布はその重要さにもかかわらず理解が十分に進んでいるとはいえない。研究を発展させるには、具体的な統計データに即して分布を調べながら、本質をつかまえたモデルを築いていくことが必要である。ここではこの方向へ一歩進むために、医薬品産業をとりあげ、生まの統計データをもとにして企業のサイズ分布の特徴とその時間発展を調べてみたい。

2. 医薬品を製造している企業は全国で2000社余りあるが、そのうちで新薬開発に関係している企業は90社ほどである。企業のサイズは売上高、従業員数、所得額などを目安として測られるが、ここでは比較的小さな企業まで含めて統計データがそろっている法人所得を企業のサイズの目安とする。そして上位100社の企業群について詳しくみてゆく。

3. サイズが次第に小さくなる順に企業を並べ、 n 番目の企業のサイズを $s(n)$ とする。いま $s = kn^{-\alpha} \dots\dots(1)$ のとき、サイズの分布密度 $f(s)$ はパレート分布 $f = bs^{-\rho-1}$ となる。ここで $\alpha = 1/\rho$ である。実際に医薬品産業で $s(n)$ を求めると、上位10社ほどの集団とそれ以外の集団がおのおの(1)式の関係を満たし、上位集団の α の値が下位集団の値に比べて小さいことがわかった。ジブラの法則に基づいたSimon & Bonini (1958)の議論によれば、全体のサイズの成長量のうち新しく入ってきた企業による寄与の割合を r とすれば、 $1/\rho = 1 - r$ である。しかし医薬品産業では上位集団に新入りがほとんどなく下位集団に多いので、この関係は事実と反しているように思われる。したがって企業サイズの分布を生み出す仕掛けは改めて考えなくてはならない。また企業には最小最適規模があると考えられているが、ここで得られた $\log s$ と $\log n$ の関係の折れまがり点がこれに関係している可能性もあり、サイズ分布を説明できる